



**You have downloaded a document from
RE-BUŚ
repository of the University of Silesia in Katowice**

Title: Analiza porównawcza genomów bakterii z gatunku *Pantoea ananatis* ujawnia geny zaangażowane w interakcje endofitów bakteryjnych z rośliną

Author: Artur Piński, Katarzyna Hupert-Kocurek

Citation style Piński Artur, Hupert-Kocurek Katarzyna. (2017). Analiza porównawcza genomów bakterii z gatunku *Pantoea ananatis* ujawnia geny zaangażowane w interakcje endofitów bakteryjnych z rośliną. W: E. Sierka, A. Nadgórska-Socha (red.), "Aktualne Problemy Ochrony Środowiska. Ocena Stanu, Zagrożenia Zasobów i Stosowane Technologie". (S. 110-111). Katowice : Wydawnictwo Uniwersytetu Śląskiego.



Uznanie autorstwa - Użycie niekomercyjne - Bez utworów zależnych Polska - Licencja ta zezwala na rozpowszechnianie, przedstawianie i wykonywanie utworu jedynie w celach niekomercyjnych oraz pod warunkiem zachowania go w oryginalnej postaci (nie tworzenia utworów zależnych).



UNIwersYTET ŚLĄSKI
W KATOWICACH



Biblioteka
Uniwersytetu Śląskiego



Ministerstwo Nauki
i Szkolnictwa Wyższego

Analiza porównawcza genomów bakterii z gatunku *Pantoea ananatis* ujawnia geny zaangażowane w interakcje endofitów bakteryjnych z rośliną

Artur PIŃSKI, Katarzyna HUPERT-KOCUREK

Katedra Biochemii, Wydział Biologii i Ochrony Środowiska, Uniwersytet Śląski w Katowicach; ul. Jagiellońska 28, 40-032 Katowice; e-mail: arturpinski@gmail.com; tel.: 32 359 19 56

Wstęp

Wyniki najnowszych badań sugerują, że prawdopodobnie wszystkie rośliny zasiedlane są przez mikroorganizmy. Bakterie zdolne do kolonizacji wnętrza roślin określane są mianem bakterii endofitycznych. Kolonizacja ta nie tylko nie wywiera negatywnego wpływu na gospodarza, lecz często interakcje endofit-roślina prowadzą do promocji wzrostu rośliny i jej ochrony przed fitopatogenami. W ostatnich latach wzrosło zainteresowanie endofitami ze względu na możliwości ich wykorzystania we wspomaganiu procesu fitoremediacji. Skuteczna aplikacja endofitów w biotechnologii środowiska wymaga poznania i zrozumienia mechanizmów promowania i interakcji tych bakterii z rośliną i środowiskiem. Jednakże, interakcje endofit-roślina na poziomie molekularnym są wciąż w dużej mierze nieznane. Genomika porównawcza umożliwia lepsze zrozumienie genetycznego podłoża tych interakcji.

Cele pracy

Celem pracy było znalezienie genów kodujących białka zaangażowane w oddziaływanie endofit-roślina poprzez analizę porównawczą genomów bakterii z gatunku *Pantoea ananatis*.

Wyniki i ich omówienie

Analiza porównawcza genomów bakterii z gatunku *P. ananatis* ujawniła obecność 286 genów charakterystycznych dla promującego wzrost gospodarza roślinnego endofitycznego szczepu R100. Spośród tych genów, 253 koduje białka o dotychczas nieznanej funkcji. Wśród pozostałych 33 genów w interakcje endofity-roślina mogą być zaangażowane geny kodujące: syntazę cyklicznego β -1,2-glukanu, dehalogenazę chlorowcoalkanów, czynnik zwiększający infekcyjność makrofagów, metylowane białko chemotaktyczne, permeazę należącą do superrodziny DMT oraz czynniki transkrypcyjne i enzymy hydrolityczne.

Wnioski

Analiza porównawcza genomów bakterii z gatunku *P. ananatis* ujawniła obecność genów, które mogą być zaangażowane w interakcje endofit-roślina. Białka kodowane przez te geny umożliwiają ochronę komórek bakteryjnych przed stresem osmotycznym i metabolitami wtórnymi produkowanymi przez roślinę, jak też regulację ekspresji genów i chemotaksję.

Literatura

1. Ali S., Duan J., Charles T.C., Glick B.R. 2014. A bioinformatics approach to the determination of genes involved in endophytic behavior in *Burkholderia* spp. *J Theor Biol* 343:193–198
2. Chaudhry V., Patil P.B. 2016. Genomic investigation reveals evolution and lifestyle adaptation of endophytic *Staphylococcus epidermidis*. *Sci Rep-UK*
3. Piński A., Hupert-Kocurek K. 2016. Genetyczne podłoże oddziaływań bakterii endofitycznych z roślinami. *Postep Mikrobiol* 4(55):404–412
4. Sheibani-Tezerji R., Naveed M., Jehl M.A., Sessitsch A., Rattei T., Mitter B. 2015. The genomes of closely related *Pantoea ananatis* maize seed endophytes having different effects on the host plant differ in secretion system genes and mobile genetic elements. *Front Microbiol* 5:1-16
5. Wu L., Liu R., Niu Y., Lin H., Ye W., Guo L., Hu X. 2016. Whole genome sequence of *Pantoea ananatis* R100, an antagonistic bacterium isolated from rice seed. *J Biotech* 225:1–2

Comparative genomics of *Pantoea ananatis* species reviles genes involved in plant-endophytic bacteria interactions

Artur PIŃSKI Katarzyna HUPERT-KOCUREK

Department of Biochemistry, Faculty of Biology and Environmental Protection, University of Silesia in Katowice; 28 Jagiellońska, 40-032 Katowice; e-mail: arturpinski@gmail.com; phon: +48 32 359 19 56

Introduction

Results of recent studies suggest that all plants are colonized by bacteria. Bacteria capable of living inside plant tissues are known as endophytic bacteria. This colonization not only does not exert negative influence on the host but quite often leads to plant growth promotion and protection from phytopathogens. In recent years interest in endophytes has increased because of their potential use in enhancing the phytoremediation process. An effective application of endophytic bacteria in environmental biotechnology requires understanding of growth promotion mechanisms and interactions of these bacteria with plant and environment. However, interactions of endophytes at the molecular level are still largely unknown. Comparative genomics provides a better understanding of the genetic basis of these interactions.

Aims of the work

The aim of the study was to find genes encoding proteins involved in plant-endophyte interactions by comparing the genomes of *Pantoea ananatis* strains.

Results and discussion

Comparative analysis of genomes revealed presence of 286 genes specific for plant growth promotion in endophytic strain R100. Out of these genes, 253 encoded proteins of unknown function. In interactions between endophytes and plants following genes may be involved: cyclic β -1,2-glucan synthase, haloalkanes dehalogenase, macrophage infectivity factor, methylated chemotactic protein, DMT super-permease, transcription factors and hydrolytic enzymes.

Conclusions

Comparative analysis of genomes revealed presence of genes that may be involved in endophyte-host plant interactions. Proteins encoded by these genes allow for protection of bacterial cells against osmotic stress and secondary metabolites produced by plant, as well as regulation of gene expression and chemotaxis.

Reference

1. Ali S., Duan J., Charles T.C., Glick B.R. 2014. A bioinformatics approach to the determination of genes involved in endophytic behavior in *Burkholderia* spp. *J Theor Biol* 343:193–198
2. Chaudhry V., Patil P.B. 2016. Genomic investigation reveals evolution and lifestyle adaptation of endophytic *Staphylococcus epidermidis*. *Sci Rep-UK*
3. Piński A., Hupert-Kocurek K. 2016. Genetyczne podłoże oddziaływań bakterii endofitycznych z roślinami. *Postep Mikrobiol* 4(55):404–412
4. Sheibani-Tezerji R., Naveed M., Jehl M.A., Sessitsch A., Rattei T., Mitter B. 2015. The genomes of closely related *Pantoea ananatis* maize seed endophytes having different effects on the host plant differ in secretion system genes and mobile genetic elements. *Front Microbiol* 5:1–16
5. Wu L., Liu R., Niu Y., Lin H., Ye W., Guo L., Hu X. 2016. Whole genome sequence of *Pantoea ananatis* R100, an antagonistic bacterium isolated from rice seed. *J Biotech* 225:1–2